

Résumé de la communication (sous de présentation orale) présentée au

13<sup>ième</sup> rencontres de virologie végétale, du Dimanche 16/01/11 au jeudi 20/01/11 à Aussois (73)

## **Distribution des intégrations de *Banana streak virus* au sein de la diversité *Musa*.**

Pierre-Olivier DUROY, Xavier PERRIER, Matthieu CHABANNES, Nathalie LABOUREAU et Marie-line ISKRA-CARUANA

Il est désormais acquis que des génomes viraux font partie intégrante du génome de nombreuses plantes. Ces intégrations virales sont majoritairement sous la forme de résidus de séquences dégradées. Elles sont principalement issues de virus appartenant à la famille *Caulimoviridae*, de génome ADN double brin circulaire, n'ayant pas d'obligation d'intégrer le génome de leur plante hôte au cours de leur cycle de multiplication. Notre étude vise à analyser le contexte d'intégration afin de comprendre les causes évolutives du maintien des séquences du *Banana streak virus* (eBSV) dans le génome du bananier de l'espèce *Musa balbisiana*, tant pour le virus que pour la plante (2, 3). En effet, l'originalité du pathosystème *Banana streak virus* (BSV) / *Musa balbisiana* est que certains eBSV sont conservés et à l'origine de particules virales infectieuses. Le BSV est actuellement la contrainte majeure des programmes d'amélioration génétique utilisant le génome B car porteur d'eBSV pouvant se révéler infectieux.

Cinq évènements d'intégration différents pour quatre espèces de BSV ont été mis en évidence chez le bananier diploïde naturel *Musa balbisiana*, le cv Pisang Klutuk Wulung (PKW) bananier modèle d'études. Ces intégrations, fragmentées et complexes sont supérieures à la taille d'un génome viral et se sont révélées être transmises de manière allélique dans la descendance pour deux des quatre espèces de BSV (1 et Baurens et al., non publié). Des marqueurs PCR de structure et d'intégration ont été développés pour chacun de ces eBSV constituant la signature d'intégration pour une espèce BSV donnée. L'ensemble des signatures constitue le passeport eBSV d'un individu.

La répartition des eBSV au sein des *Musa* est en cours d'analyse afin de retracer l'histoire évolutive de ces intégrations. L'échantillonnage retenu est représentatif de la diversité des bananiers tenant compte des deux centres géographiques (Inde et Philippines) d'origine de la diversité interspécifique *Musa acuminata* et *Musa balbisiana* (4). Les premiers résultats des passeports eBSV des différents bananiers obtenus après PCR et l'analyse des structures par southern blots seront présentés ainsi que les premières interprétations.